

Zárójelentés

„Állati rotavírusok összehasonlító
genomvizsgálata”

c. OTKA kutatási programról

Bányai Krisztián
(MTA ATK ÁOTI)

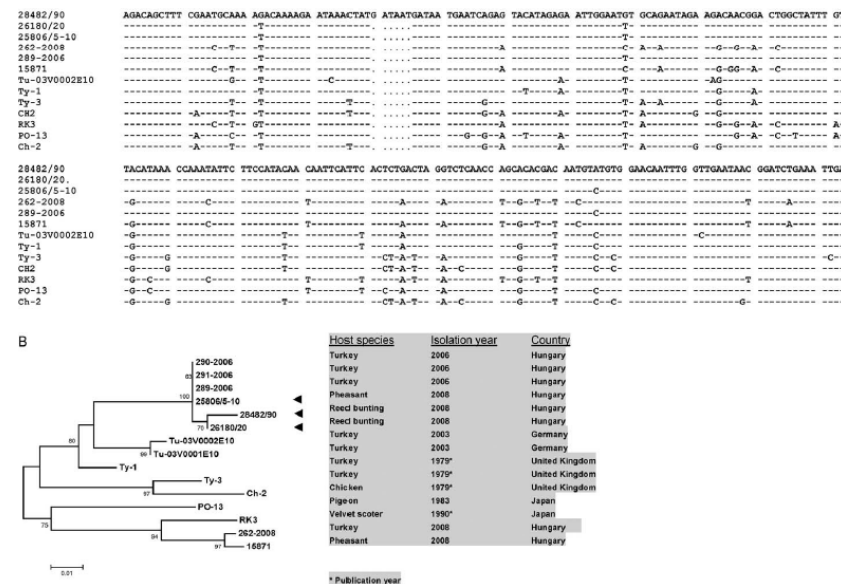
2012

Az „Állati rotavírusok összehasonlító genomvizsgálata” c. programban azt a célt tűztem ki, hogy különböző gazdafajok rotavírus fertőzésének epidemiológiájáról és az azonosított törzsek genomjáról gyűjtök hazai és nemzetközi vonatkozású adatokat. Ennek a programnak a megvalósítását az alábbi igények keltették életre. Egyrészt, az már tankönyvi adat, hogy a rotavírusok a legfontosabb hasmenést okozó vírusok közé tartoznak emberben és számos háziállatban egyaránt. A szakirodalmi adatok azonban jelentős földrajzi különbségeket mutatnak a rotavírus fertőzések egyes gazdafajokra jellemző gyakoriságára vonatkozóan, az embert leszámítva pedig hazai adatok alig voltak elérhetőek. Így fontosnak tűnt felmérni azt, hogy hazánkban milyen jelentőséggel bírnak ezek a vírusok a különböző gazdafajokban. Másrészt, a rotavírus genomok meghatározásának és elemzésének igénye a pályázat beadásának idején újdonságnak számított, hiszen eltekintve néhány referenciatörzs genomjától nem állt rendelkezésre kimerítő mennyiségű genomszekvencia adat a nemzetközi adatbázisokban. Az akkortájt elérhető néhány rotavírus genomszekvencia segített ugyan a vírus taxonómiájának leírásában, azonban a vírusfaj alatti osztályozás illetve az akkoriban újonnan javasolt genotipizálási rendszer további kiegészítő és megerősítő adatokért kiáltott. Így, az újabb és újabb rotavírus törzsek molekuláris vizsgálatával számos új tudományos felismerésre lehetett számítani.

1. Madarak rotavírusai

1.1. Rotavírusok kimutatása vadmadár fajokban

A NÉBIH ÁDI munkatársaival együttműködésben nagyszabású szűrővizsgálatot végeztünk rotavírusok kimutatására vadmadarak bélsár és kloákatampon mintáiból. Ezeket a mintákat eredetileg a 2008. évi madár influenzavírus monitorozásra küldték be az intézetbe. Összesen 1220 mintát vizsgáltunk egyedileg, vagy pool-ozva RT-PCR módszerrel a VP6 génre specifikus primer párral; három pozitív mintát találtunk, egyet fácánból, kettőt pedig nádi sármányokból. Ez utóbbi fajból előttünk még nem mutattak ki rotavírust.



1. ábra. Nádi sármányból és fácánból kimutatott rotavírus törzsek VP6 génjének összehasonlító elemzése magyarországi pulyka rotavírusok és más országokból származó egyéb madárfajok rotavírusainak azonos génjével.

A következő években további, sporadikusan beérkezett mintákat is szűrtünk rotavírusra és állatkerti fehérgólyából, valamint Kelet-Magyarországon talált elhullott füstifecske, erdei cankó, feketeerítő,

nagy fakopáncs, erdei fülesbagoly, vörös vércse, egerészölyv és barna rétihéja béltartalmából is sikerült rotavírusokat kimutatnunk.

1.2. Egyes baromfifajok rotavírus törzsei

A NÉBIH ÁDI munkatársaival folytatott együttműködés kiterjedt a háziszárnyasok rotavírusainak vizsgálatára is. 2012-ig gyűjtött 270 minta rotavírusra történő szűrését végeztük el a virális genom poliakrilamid gélelektroforézissel történő elválasztásával, illetve RT-PCR segítségével. Korábbi vizsgálatokból már ismert volt, hogy a hazai pulykaállományokban megtalálhatóak a rotavírusok. Az általunk vizsgált legtöbb minta pulykából és csirkéből származott; rotavírust 18 pulyka, egy csirke és egy kacsza bélmintában találtunk.

Hozzájutottunk továbbá közel egy tucatnyi fürj és fácán bélsármintához; a fácánokból kimutatott törzsek egy részénél új VP7 genotípust írtunk le (G23), más törzsek viszont a pulyka szintén újonnan leírt VP7 genotípusával (G22) rendelkeztek. Két fácán rotavírus törzset választottunk ki teljes genomvizsgálatra. A Magyarországon azonosított fácán törzsek több génjükben is eltértek egy referencia törzsnek is felfogható németországi fácán rotavírusról, beleértve a VP4 és/vagy VP7, valamint az NSP2 gének genotípusát. Ezekben a génekben törzseink csirke illetve pulyka és galamb törzsekkel mutattak genotípus azonosságot.

1. táblázat. A ma ismert madár rotavírusok genomjának genotípus konfigurációja

Gazdafaj/Törzs	VP7	VP4	VP6	VP1	VP2	VP3	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
Galamb/PO-13	G18	P[17]	I4	R4	C4	M4	A4	N4	T4	E4	H4
Pulyka/03V0002E10	G22	P[35]	I4	R4	C4	M4	A16	N4	T4	E11	H4
Fácán/10V0112H5*	G23	P[37]	I4	R4	C4	M4	A16	N10	T4	E4	H4
Fácán/81626**	G23	P[30]	I4	R4	C4	M4	A16	N6	T4	E4	H4
Fácán/18769**	G22	P[35]	I4	R4	C4	M4	A16	N4	T4	E4	H4
Csirke/02V0002G3	G19	P[30]	I11	R6	C6	M7	A16	N6	T8	E10	H8

* Németországi törzs; ** Magyarországi törzs

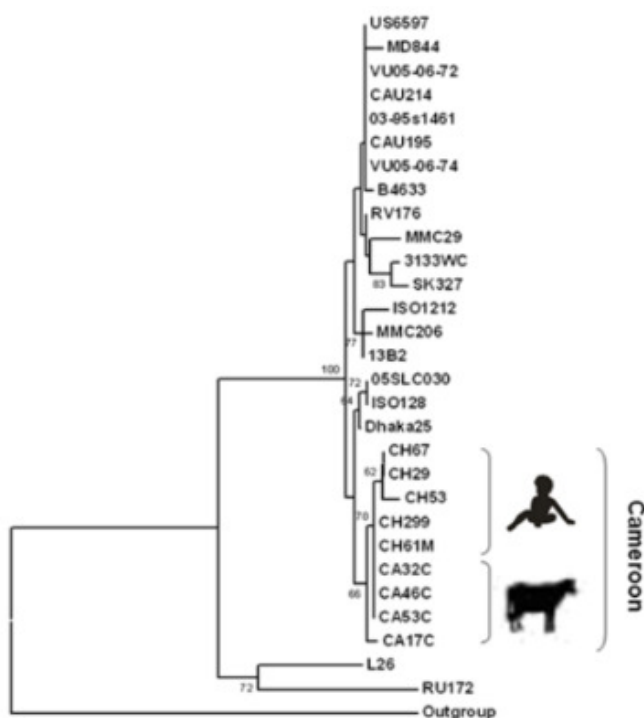
A filogenetikai vizsgálatok ugyanakkor rávilágítottak arra, hogy genotípus egyezés esetén a hazai fácán rotavírus törzsek jobban hasonlítanak a németországi fácán rotavírusokhoz, mint a galamb vagy a pulyka törzsekhez.

2. Emlősök rotavírusai

2.1. Sertés és szarvasmarha rotavírus törzsek

Magyarországon végzett felmérés szerint a fiatal sertések és borjak rotavírus fertőzöttségének aránya 4,2% illetve 5,3%. Ez az arány sertések vonatkozásában összevethető azzal, mint amit Dániában találtak, de alacsonyabb annál, mint amit Szlovéniából jelentettek ugyanabban a felmérésben. Szarvasmarhák esetében viszont fordított viszonyszámokat kaptunk. A Magyarországon kimutatott sertés rotavírus törzsek G5 genotípusúak voltak, amely sertésben a leggyakoribb VP7 genotípus világszerte. Az általunk vizsgált szarvasmarha rotavírus törzsek pedig G6 genotípusúak voltak, amelyek a globálisan gyakori szarvasmarha törzsek közé tartoznak. További, sporadikusan a laboratóriumunkba érkező sertés és szarvasmarha bélsármintából is sikerült rotavírust kimutatnunk. Ezeknek a törzseknek genomvizsgálatát elhalasztottuk addig, amíg egy jelentősebb nagyságú törzsgyűjteményre teszünk szert.

Laboratóriumunk aktív szerepet vállalt egy kameruni együttműködésben, ahol szintén alkalmunk volt sertés és szarvasmarha rotavírusok előfordulási gyakoriságára vonatkozó vizsgálatokat végezni. Az eredmények alacsony prevalenciáról árulkodtak, bár a bélsárminták gyűjtési ideje csupán egy-egy hónapra korlátozódott. Közel 150 szarvasmarha bélsármintából mindösszesen négyben azonosítottunk rotavírust, mindet tünetmentes állatokból. Az előzetes adatok alapján úgy tűnik, hogy mind a négy törzs G12 genotípusú. Ez a genotípus emberben az 1990-es években bukkant fel ismét és azóta világszerte elterjedt. További érdekesség volt, hogy a kameruni szarvasmarhákban talált G12 törzsek VP7 génje genetikailag megegyezett az ugyanazon a területen fiatal gyermekekben is megtalált azonos genotípusú rotavírus törzsekével. Ez az első, szekvencia adatokkal alátámasztott megfigyelés arról, hogy ez a nemrég felbukkant humán rotavírus genotípus szarvasmarhában is előfordulhat. Megjegyzem, hogy kameruni sertés bélsármintákból ugyanezt a VP7 genotípust találtuk meg egy multiplex genotipizáló PCR segítségével, de a sertés törzsekből szekvencia adatokat egyelőre nem gyűjtöttünk.



2. ábra. Kameruni szarvasmarha bélsárból és emberi székletmintából kimutatott G12 genotípusú rotavírusok VP7 génjének filogenetikai vizsgálata.

2.2. Juh/kecske rotavírusok

A kameruni együttműködés során egy-egy juh és kecske rotavírust is azonosítottunk molekuláris módszerekkel. Az azonosított törzsek további vizsgálatát tervezzük.

Elvégeztük egy korábban publikált (Ciarlet és mtsai, 2008; Matthijnsens és mtsai, 2009) juh rotavírus törzs genomjának újra-szekvenálását is, amivel az időközben a laboratóriumunkban munkába állított félvezető alapú újgenerációs szekvenáló berendezés rotavírus genomok meghatározására való alkalmasságát teszteltük.

2.3. Lovak rotavírus törzsei

2009 végén nemzetközi együttműködésre kaptunk meghívást, amelyben lovak rotavírusainak molekuláris elemzését kellett elvégeznünk. Ennek érdekében magunk is mintagyűjtésbe kezdünk és dr. Hornyák Ákos (akkor SZIE ÁOTK) segítségével tucatnyi, fiatal állatoktól gyűjtött bélsár mintához jutottunk. Korábbi, 2005-2006 évi gyűjtésünkkel együtt közel 30 mintát szűrtünk meg molekuláris módszerekkel, de mindeddig nem találtunk rotavírusra pozitív mintát hazai lóállományokban. Ugyanakkor megkeresésünkre ír (Helen O'Shea) és indiai (Ganesh Balasubramanian) kollegák mutattak érdeklődést velünk való együttműködésre és szolgáltatott mintákat ehhez a projekthez. Az Indából érkező 8 mintából RT-PCR-rel egy gyengén pozitívat azonosítottunk. Írországból 16 rotavírusra pozitív bélsármintát kaptunk, ezek közül kettőt választottunk ki további vizsgálatainkhoz.

A két ír törzs (egy G3P[12] és egy G14P[12] törzs) nagyon hasonló genotípus konfigurációt mutatott más földrészeken (Afrika, Amerika) azonosított ló rotavírus törzsekkel (G3/G14-P[12]-I2/I6-R2-C2-M3-A10-N2-T3-E2/E12-H7). Ebben az összehasonlításban az egyetlen kivételt az angliai L338 törzs jelentette, amely talán nem is valódi ló rotavírus, hanem egy lóból izolált fajidegen törzs lehet; e törzs lehetséges eredetét illetően nem látunk tisztán, ugyanis szinte a teljes genom genotípus konfigurációja (G13-P[18]-I6-R9-C9-M6-A6-N9-T12-E14-H11) különbözik nemcsak a többi ló rotavírusról, hanem minden más ismert rotavírusról is.

2. táblázat. Lovakban azonosított rotavírusok genomjának genotípus konfigurációja

RVA strain name	VP7	VP4	VP6	VP1	VP2	VP3	NSP1	NSP2	NSP3	NSP4	NSP5
RVA/Horse-tc/GBR/L338/1991/G13P[18]	G13	P[18]	I6	R9	C9	M6	A6	N9	T12	E14	H11
RVA/Horse-wt/ARG/E403/2006/G14P[12]	G14	P[12]	I2	R2	C2	M3	A10	N2	T3	E12	H7
RVA/Horse-wt/ARG/E4040/2008/G14P[12]	G14	P[12]	I2	R2	C2	M3	A10	N2	T3	E12	H7
RVA/Horse-wt/ARG/E30/1993/G3P[12]	G3	P[12]	I6	R2	C2	M3	A10	N2	T3	E12	H7
RVA/Horse-wt/IRL/03V04954/2003/G3P[12]	G3	P[12]	I6	R2	C2	M3	A10	N2	T3	E2	H7
RVA/Horse-wt/IRL/04V2024/2004/G14P[12]	G14	P[12]	I2	R2	C2	M3	A10	N2	T3	E2	H7
RVA/Horse-wt/ZAF/EqRV-SA1/2006/G14P[12]	G14	P[12]	I2	R2	C2	M3	A10	N2	T3	E2	H7
RVA/Horse-tc/USA/FI23/1981/G14P[12]	G14	P[12]	I2				A10			E2	

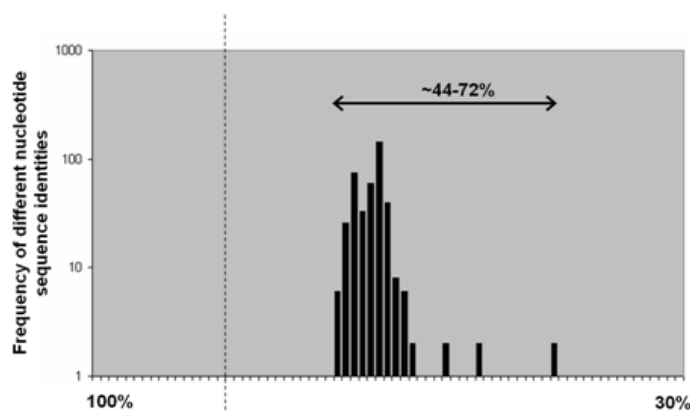
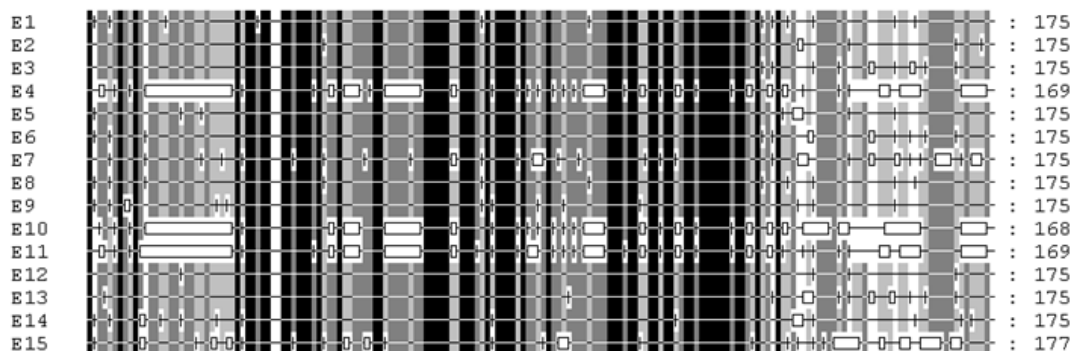
További három írországi ló rotavírus törzs genomját újgenerációs szekvenáló berendezéssel határoztuk meg, de az adatok kielemezésére a zárójelentés elkészültéig nem került sor.

2.4. Egy teve rotavírus genotípus konfigurációja

Kuvaitból (Szűcs György) egy rotavírusra pozitív teve bélsármintát kaptunk további elemzésre. Kilenc gént (NSP2-NSP5, VP1, VP2, VP4-VP7) sikerült felerősítenünk és megszekvenálnunk, mielőtt az eredeti bélsárminta, illetve a belőle készített RNS illetve cDNS minták elfogytak volna. A törzs elemzése azt mutatta, hogy ez a törzs egyes gének tekintetében közelebbi rokonságban áll más, közel-keleti juh és szarvasmarha törzsekkel, mint a dél-amerikai tevéfélék rotavírusaival. Ez azt sejteti, hogy legalábbis egyes gazdafajok rotavírusai génállományának kialakulásában a lokálisan előforduló fajidegen vírustörzsek játszanak nagyobb szerepet, míg a gazdafajok közötti genetikai rokonságnak ebben kisebb szerep jut.

Ennek a tanulmánynak a további érdekessége egy új NSP4 genotípus (E15) leírása volt. Ez a génváltozat egyes tulajdonságaiban jelentősebb eltérést mutat a többi emlős rotavírus NSP4

génjéhez képest (a gén hossza, a fehérje C-terminálisának szerkezeti különbségei, a rokonsági kapcsolatok terén), ami kérdéseket vet fel e genotípus gazdafaj eredetére vonatkozóan.

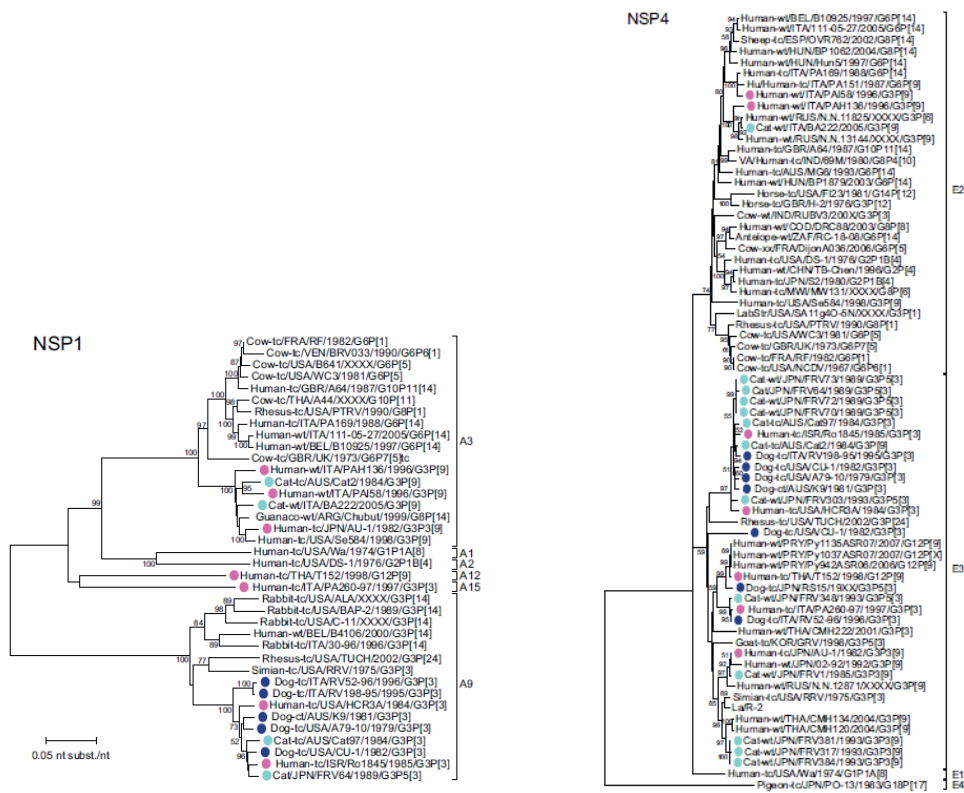


3. ábra. A 15 NSP4 genotípust képviselő referencia törzs felhasználásával készített sematikus aminosav szekvencia illesztés, valamint az E15 genotípus más NSP4 genotípusokkal (E1-E14) mutatott hasonlósági értékei.

2.5. Macska és kutya rotavírusok

Részt vettem Olaszországból (Vito Martella) származó macska és vele rokon humán G3P[9] törzsek vizsgálatában is. A különböző fajokból származó törzsek között szoros rokonságot találtunk, de néhány gén eltérő genotípusba tartozott. Jelenleg nem világos, hogy minden egyes, emberben azonosított G3P[9] genotípusú törzs egyedi zoonózis esemény következménye-e, vagy esetleg ezek már tudtak annyira adaptálódni az új gazdához, hogy emberről emberre is terjedni tudjanak. Ennek megértésében segíthet a hazai gyűjtésű P[9] rotavírus törzsek genomjának majdani vizsgálata, amire ebben a pályázatban költségkímélési megfontolásból nem került sor.

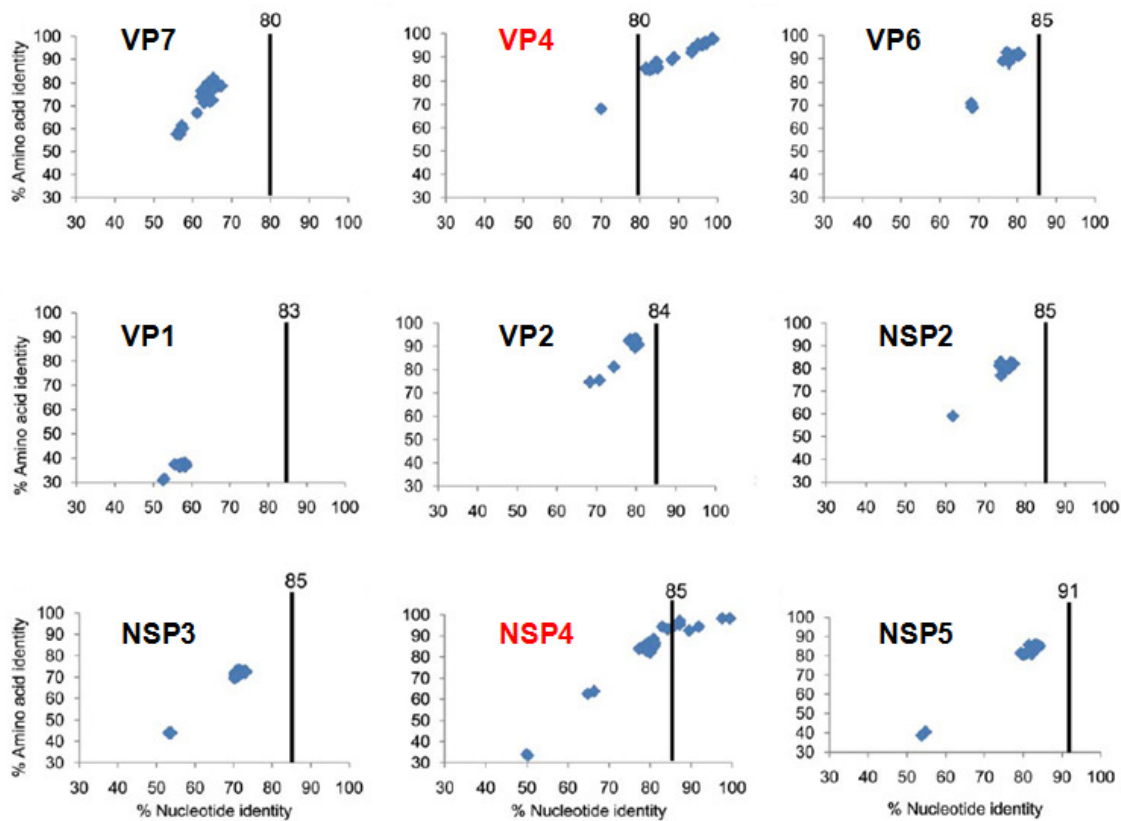
Szintén olaszországi kutya G3P[3] rotavírusok szoros genetikai rokonságot mutattak macskák és az ember egyes ritka rotavírus törzseivel, mely utóbbiakat zoonózisos eredetűnek tartunk. A kutyák és macskák rotavírusai közötti nagyfokú genetikai rokonság azt sejteti, hogy e gazdafajok egyes rotavírus törzsei könnyen jutnak át egyik fajtól a másikba.



4. ábra. A kutya és a macska rotavírusai között szoros genetikai rokonság áll fenn. Az egyszerűség kedvéért ezt két gén (NSP1 és NSP4) filogenetikai vizsgálatának eredményein mutatom be.

2.6. Denevér rotavírus

Az amerikai Járványügyi Központ (CDC, Atlanta, GA) munkatársaival (Mathew Esona) együttműködésben a világon elsőként azonosítottunk és elemeztünk denevér rotavírusokat. Az egyik törzs genomjának vizsgálatakor több érdekességre is fény derült. Először is, leírtunk hét új géntípusot (genotípust). Másodsor, a VP4 gén a közönségesnek mondható la filogenetikai vonalba sorolt P[6] genotípusú emberi rotavírus törzsekkel mutatott megegyezést, ami humán és denevér rotavírus törzsek közötti géncserére utal. Harmadsor, a VP1 gén esetében szokatlan filogenetikai kapcsolatrendszeret figyeeltünk meg, ami arra engedett következtetni, hogy ennek a génnek az eredetében egy más rotavírusfajba tartozó törzssel való genetikai interakció játszhatott szerepet. Ha ez igaz, az alátámaszthatja azt a viszonylag új tudományos elképzelést, miszerint különböző rotavírusfajok között is lehetséges géncsere.



5. ábra. A denevér rotavírus egyes génjeinek referencia genotípusokkal mutatott százalékos hasonlósági értéke (x tengely, nt; y tengely, aa). Az egyes géneknél a genotípust meghatározó százalékos határértéket az x tengelyen függőleges vonal jelzi. A pirossal jelölt gének már korábbról ismert genotípusba tartoznak, ráadásul egyes humán törzsek megfelelő génjeivel mutatnak hasonlóságot.

2.7. Nyulak rotavírusai

Összesen 6 nyúl rotavírus izolátumot kaptunk Olaszországból (Vito Martella), amelyek közül kettő genomját szekvenáltuk meg az újgenerációs szekvenáló berendezéssel. Az adatok feldolgozása folyamatban van.

3. Az ember zoonotikus eredetű rotavírus törzsei

Emberben a rotavírussal kapcsolatos járványügyi vizsgálatok fő motorját a néhány éve piacra került humán rotavírus oltóanyagok jelentik, ami minden korábbinál intenzívebb molekuláris járványügyi felméréseket eredményezett, elsősorban az oltóanyag hatékonyság monitorozása és a vakcinációval kapcsolatos törzsdiverzitás és annak változásai jobb megértése érdekében. Mindez kissé talán váratlanul kihatott az állati rotavírus törzsek járványügyi vizsgálatának élénkülésére is, köszönhetően annak az egyre több bizonyítékkal alátámasztott meggyőződésnek, hogy az ember újonnan azonosított rotavírusainak felbukkanásában szerepet játszhatnak egyes háziállatok is.

Hazai gyűjtésű zoonotikus eredetűnek vélt humán törzsek mellett alkalmunk volt vizsgálni tajvani (Fang-tzy Wu), olaszországi, bulgáriai (Zornitsa Mladenova), szlovéniai (Andrej Steyer) és USA-beli kollégák által gyűjtött és/vagy szekvenált humán rotavírus törzseket is. Bár az OTKA pályázatnak ez az alfejezete látszólag csak érintőlegesen kapcsolódik az eredeti programhoz, mára világossá vált, hogy

sok esetben az emberben megtalált fajidegen rotavírus törzsek elemzése segíthet az adott földrajzi régióban cirkuláló, de rejtve maradt állati rotavírus törzsek genetikai jellegzetességeinek megismerésében is.

3.1. Kérődzők rotavírusaival rokon humán törzsek

Hagyományos módszerekkel történt 3 hazai humán P[14] törzs (2 G6P[14] és 1 G8P[14]), 1 tajvani G8P[14] törzs és 5 olaszországi G6 törzs (3 G6P[9], 2 G6P[14]) teljes vagy részleges genomjának meghatározása. Az egyedi gének filogenetikai vizsgálata e törzsek eredetének hátterében szarvasmarha és/vagy juh eredetű rotavírus törzseket sejtet. Az elvégzett számítások minden esetben arra utaltak, hogy a világ különböző pontjain sporadikusan kimutatott P[14] genotípusú humán törzsek nagy valószínűség szerint mind egyedi zoonózis eredményeként jelentek meg az emberben.

3.2. Sertések rotavírusaival rokon humán törzsek

Az amerikai Járványügyi Központ (CDC, Atlanta, GA) munkatársaival együttműködésben azonosítottunk és elemeztünk humán G9 típusú rotavírus törzseket. Ez a genotípus eredetileg valószínűleg sertésből származik, ahonnan független "kísérletezgetések" nyomán kerültek át különböző variánsai emberbe és vált végezetül egyikük az ötödik legfontosabb emberi VP7 genotípussá.

Meghatároztuk egy Bulgáriából gyűjtött ritka humán G5P[6] rotavírus törzs genomját, mely sertés és humán törzsek génjeinek keverékéből tevődött össze. E törzse további érdekessége, hogy előttünk emberben ezt VP7 genotípust Európában nem mutatta ki senki. Egy szintén bulgáriai G4P[6] genotípusú törzs genomját újgenerációs szekvenáló berendezéssel határoztuk meg; az adatok feldolgozásra várnak.

Tajvani együttműködésben G4P[6], G5P[6], G3P[19], G5P[19], G9P[19], G3P[25] törzsek molekuláris tulajdonságait vizsgáltuk. A filogenetikai számítások azt mutatták, hogy ezek a törzsek eltértek Ázsia kontinentális részein kimutatott, azonos genotípusú rotavírus törzseitől, ami talán Tajvan izolált földrajzi helyzetével függ össze és az ott cirkuláló (sertés) rotavírusok sajátos fejlődéstörténetét jelzi.

Hagyományos módszerekkel határoztuk meg nyolc magyarországi humán G4P[6] törzs genomját. Míg az azonosított törzsek genotípus konfigurációja meglehetősen konzervatív volt (G4-P[6]-I1/I5-R1-C1-M1-A1/A8-N1-T1/T7-E1-H1), a filogenetikai vizsgálatok még az egyes gének genotípus egyezése esetén is nagy változatosságot mutattak, ami arra utalt, hogy ezek a ritkán azonosított humán törzsek néhány fenti példához hasonlóan szintén nem emberről emberre terjedő rotavírus törzsek voltak.

3.3. Kutya/macskák rotavírusaival rokon humán törzsek

Magyarországi, olaszországi, tajvani és bulgáriai gyűjtésből származó humán G3P[3] és G3P[9] törzsek vizsgálata egyes gének esetében nem várt rokonsági kapcsolatokat tárt fel más területeken azonosított kutya illetve macska rotavírusokkal. Például, hazai humán G3P[9] törzsek egyes génjei >99%-os szekvencia azonosságot mutattak olaszországi macska rotavírusok azonos génjeivel, míg tajvani humán G3P[3] törzsek egyes gének elemzése alapján közeli rokonságban álltak olaszországi kutya rotavírusokkal.

4. Egyéb tudományos eredmények

A rotavírus törzsek elnevezésének szinkronizálására nevezéktani javaslatot tettünk közzé a Rotavírus Klasszifikációs Munkacsoport (RCWG) tevékenységének keretein belül. A javaslat szerint a rotavírus törzsek elnevezésénél a következő elemeket kell megadni:

- Rotavírusfaj, rövidítve (pl. RVA, RVB, RVC, stb);
- Gazdafaj eredet egyszerű angol nevet használva (pl. human, cow, pig) és kötőjellel jelezve azt, hogy a törzs vad típusú (wt), vagy szövethez adaptált (tc), illetve más (lab=laboratóriumban generált, vaccine=oltóanyag, env=környezeti) eredetű-e;
- Földrajzi eredet (rövidített ország névvel);
- Egyedi azonosító;
- Kimutatás/izolálás éve;
- Genotípus (G és P típus, ha ismert).

Így például az RVA/Dog-tc/ITA/RV198-05/1995/G3P[3] egy olyan 1995-ben kimutatott olaszországi G3P[3] genotípusú kutya *Rotavirus A* törzset jelöl, amelyet szövettenyészetben izoláltak.

5. Az eredmények publikálása

A vizsgálatok eredményeiből 20 nemzetközi folyóiratcikk készült, melyek kumulatív impakt faktora 58,885. Ezenkívül négy kézirat van jelenleg elbírálás alatt és reményeink szerint további 3-5 kéziratot tudunk még publikálni 2013 során. A publikált cikkekre eddig 260 független hivatkozást kaptunk.

Négy egyetemi hallgató készített a témakörben kísérletes munkán alapuló diplomamunkát. Papp Hajnalka (ELTE) 2010-ben, Borzák Réka (ELTE) és Dallos Bianka (BME) 2012-ben védte meg diplomamunkáját. A negyedik diplomamunka védésére várhatóan 2013-ban kerül sor. Időközben Papp Hajnalka felvételt nyert a SZIE ÁOTK Doktori Iskolájába, ahol állati rotavírusok genomvizsgálatával foglalkozik; így jelen OTKA pályázat egy PhD disszertáció elkészítésében is támogatást nyújthat majd.

6. Összegzés

Az előzetes várakozásoktól eltérően a minták szisztematikus gyűjtésére kevés kivételtől eltekintve nem találtunk megoldást, így a vizsgálatok passzív surveillance keretében zajlottak. Ennek ellenére az OTKA támogatási időszak alatt 2000-nél több állati bélsár mintát szűrtünk meg rotavírusra, közel 90 rotavírus törzs részleges vagy teljes genomját határoztuk meg és elemeztük a kapott adatokat az egyes törzsek rokonsági kapcsolatainak megértése érdekében. Tizenegy olyan gazdafajnál igazoltunk rotavírus fertőzést, amelynél korábban senki sem, leírtunk 17 új genotípust és elkezdtük egy, a rotavírus genomok meghatározásában használható újgenerációs szekvenálási módszer adaptálását.